VII EAITI 2017
ENCONTRO ANUAL DE INICIAÇÃO TECNOLÓGICA E INOVAÇÃO
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
09 e 10 de novembro de 2017

EXPRESSÃO GÊNICA DO METABOLISMO DE LIPIDIO NA CHIA

Géssica Daiane da Silva (PIBITI/CNPq/Universidade Estadual de Maringá), Tiago Roque Benetoli da Silva (Orientador), email: trbsilva@uem.br.

Universidade Estadual de Maringá – Campus Regional de Umuarama / Departamento de Ciências Agronômicas

Ciências Agrárias: Agronomia – Nutrição de plantas.

Palavras Chave: *Salvia hispânica, teor de óleo, adubação fosfatada, síntese de lipídios.*

Resumo

A chia (Salvia hispânica L.) é uma planta anual herbácea considerada como fonte natural de ácidos graxos ômega-3, fibras, proteínas e antioxidantes. No entanto o cultivo no Brasil ainda é recente e as informações e técnicas existentes são limitadas, portanto, objetivou avaliar o efeito da aplicação de doses de fósforo na expressão de genes responsáveis pela síntese de lipídios na chia. O experimento foi conduzido em vaso, na Fazenda da Universidade Estadual de Maringá no Campus Regional de Umuarama. O solo usado foi Latossolo Vermelho Distrófico típico de textura arenosa, com DIC, seguido de quatro e cinco repetições. Os tratamentos usados foram quatro doses de P_2O_5 aplicados na semeadura (0, 40, 80 e 120 kg ha^{-1}). Foi avaliada a expressão dos genes responsáveis pelo metabolismo de OLE1 e MGAT.

Introdução

A cultura da chia é considerada importante fonte de óleos e possui ampla distribuição geográfica sendo cultivada em larga escala no Paraguai, cuja época recomendada para a semeadura é tanto no verão quanto em segunda safra (Aguillera, 2013). A expressão gênica é influenciada por fatores genético e principalmente ambientais tais como nutrição e condições climáticas (Gudsnuk e Champagne, 2011). Malavolta et al. (1997), ressaltou que o fósforo é constituinte de moléculas como DNA e RNA, atua como transportador e transdutor de energia química e participa da síntese proteica e lipídica.

Material e Métodos

Para estudos genéticos, foi extraído o material genético das folhas de chia colhidas em cada parcela, após coleta foram acondicionadas a -14ºC até a extração do material genético aproximadamente 50 mg de folhas foram maceradas na presença de nitrogênio liquido até formar um pó fino e submetidas ao protocolo de extração sugerido por Sreedhar e al. 2015. Os primers SSR referentes as sequencias dos genes-alvo foram encontradas por meio de busca no banco de dados no GenBank. Para a amplificação com os primers as reações foram realizadas em um termociclador, sendo utilizado um ciclo a 95 ºC por 1 minutos, 35 ciclos a 95 ºC por 30 segundos, temperatura específica do primer por 30 segundos para amplificação e 72 ºC por 2 minuto, e para finalizar 1 ciclo a 72 ºC por 5 minutos. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese usando um gel de agarose a 1%.

Resultados Obtidos

O produto da PCR não apresentou amplificação de bandas após a eletroforese, tornando a interpretação dos resultados impossível. O presente trabalho utilizou folhas de chia para a extração do material genético já que as sementes quando em contato com água exsudam um gel transparente mucilaginoso que adere ao macerado e dificulta a ação dos reagentes. Essa mucilagem é composta de 15% de umidade e 85 % de sólidos totais, dos quais 48 % era de carboidratos (xilose e glicose), 23,22 % de ácido irônico, 8 % de cinzas, 4 % de proteínas e 1,78 % de lipídeos (Lin et al., 1994). Problemas com amplificação são relatada cotidianamente em trabalhos de biotecnologia. Mesquita et al. 2001 comparou três métodos de extração de DNA para amplificação de DNA genômico pela técnica de PCR e obteve resultados de não amplificação de bandas por conta da baixa quantidade de DNA extraída pelo protocolo com partículas de silica. A eficiência das metodologias de extração de DNA depende do organismo que esta em estudo e também do material selecionado para a extração de DNA..

Conclusão

Os resultados da análise de expressão gênica relativa aos genes MGAT e OLE1 em chia foram inconclusivos por falta de amplificação das sequencias alvo.

Agradecimentos

Ao meu orientador pela oportunidade e ao CNPq pela bolsa de iniciação tecnológica.

[1] AGUILERA, L.A. Tecnología de semillas, siembra e instalación del cultivo de Salvia hispanica. Assuncion: Facultad de Ciencias Agrarias, 2013. 59p.

[2] GUDSNUK, K.M.A.; CHAMPAGNE, F.A. Epigenetic effects of maternal care. Clinics in Perinatology, v.38, n.4, p.703-717, 2011.

[3] LIN, K. Y.; DANIEL, J. R.; WHISTLER, R. L. Structure of chia seed polysaccharide exudate. Carbohydrate Polymers, v. 23 (1), 13–18, 1994.

[4] MALAVOLTA, E.; VITTI, G.C.; OLIVEIRA, S.A. Avaliação do estado nutricional de plantas: princípios e aplicações. Piracicaba: Potafos, 1997. 308p.

[5] MESQUITA, R. A.; ANZAI, E. K.; OLIVEIRA, R. N.; NUNES, F. D. Avaliação de três métodos de extração de DNA de material parafinado para amplificação de DNA genômico pela técnica da PCR. Pesqui Odontol Bras, v. 15, n. 4, p. 314-319, out./dez. 2001.

[6] SREEDHAR, R.V.; KUMARI, P.; RUPWATE, S.D.; RAJASEKHARAN, R.; SRINIVASAN, M. Exploring triacylglycerol biosynthetic pathway in developing seeds of chia (Salvia hispanica L.): a transcriptomic approach. Plos One, v.10, n.4, p.1-18, 2015.